

# 遗传资源数字序列信息问题刍议

孙名浩<sup>1</sup>, 李颖硕<sup>1</sup>, 赵富伟<sup>1,2\*</sup>

- (1. 生态环境部南京环境科学研究所, 南京 210042;  
2. 武汉大学环境法研究所, 武汉 430072)

**摘要:** 遗传资源数字序列信息 (DSI) 是测序技术的产物, 至少包括 DNA、RNA 等遗传物质的序列信息和天然产物化学结构信息等, 其获取和利用以及由此产生的利益分配问题已经成为《生物多样性公约》等国际进程的热点和焦点。自 2016 年以来,《生物多样性公约》框架下各方对此开展了卓有成效的讨论, 但在 DSI 内涵和外延、与遗传资源的关系、开放获取、监测 DSI 的利用等领域仍然存在根本分歧。DSI 获取与惠益分享问题面临政治博弈、技术障碍、国内法与国际法协调、多公约协同等多重挑战。我国作为全球 DSI 主要提供国和利用国, 为有效应对 DSI 获取与惠益分享所带来的挑战和机遇, 有必要加强以下四个方面相关工作: 一是加强 DSI 相关基础研究工作, 特别是需要强化跨学科研究并开展惠益分享试点示范; 二是适时制定生物信息数据管理制度, 系统构建生物资源数据分类、汇交、共享、研究、利用、跨境传输、惠益分享等关键制度; 三是加快建成开放、安全、共享、互惠的全球性生物资源数据生产与存储基础设施, 加强生物资源数据国际合作; 四是充分发挥诸如中国生物多样性保护国家委员会等跨部门协调机制作用, 持续加强我国参与 DSI 相关国际论坛讨论的协同增效。

**关键词:** 生物多样性公约, 名古屋议定书, 遗传资源, 数字序列信息, 获取和惠益分享

## Discussion on digital sequence information on genetic resources

SUN Minghao<sup>1</sup>, LI Yingshuo<sup>1</sup>, ZHAO Fuwei<sup>1,2\*</sup>

- (1. *Nanjing Institute of Environmental Sciences, MEE, Nanjing 210042, China*; 2. *Research Institute of Environmental Law, Wuhan University, Wuhan 430072, China*)

**Abstract:** Digital sequence information on genetic resources (hereinafter called DSI) refers to data generated through sequencing technologies. It consists of a broad range of genetic sequence data, which includes the digitalized details of an organism's DNA and RNA, and chemical structure information of natural products. Considering its significance, DSI has become a hot-button issue of discussions around international treaties such as the Convention on Biological Diversity, the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, and the Pandemic Influenza Preparedness Framework for the Sharing of Influenza Viruses and Access to Vaccines and Other Benefits, with particular focus on its access, use, and benefit-sharing process. Since 2016, fruitful discussions have been made among stakeholders about DSI's access and use, albeit disagreements remain in some areas, examples of which are the connotation and denotation of the placeholder term, DSI's relevance to genetic resources, the definition of open access, the monitoring of DSI use. Through analytical research of DSI itself and controversies arising from it, we come to the following observations: a) science advice alone is not enough to mitigate the differences originating from the conflict of interests between stakeholders; b) DSI's placeholder status has made the fulfillment of the benefit-sharing obligation to it more complex; c) the large variety of domestic regulations around DSI that exist in parties implies that the setup of a feasible, multilateral international system is no easy task; d) an approach that coordinates different framework conventions is urgently needed to tackle the ongoing challenges facing DSI. To

**基金项目:** 生态环境部生物多样性调查、观测与评估专项; 科技部科技基础资源调查专项(2018FY00801-03)。

**第一作者:** 孙名浩 (1993-), 硕士, 助理研究员, 从事生物多样性遗传资源保护研究, (E-mail) sunminghaotx@163.com。

**\*通信作者:** 赵富伟, 博士, 研究员, 从事生物多样性、遗传资源、传统知识保护等研究, (E-mail) zhaofuwei@outlook.com。

effectively cope with the challenges and opportunities brought by DSI's access and use, China, as a major provider and user of DSI in the world, should intensify efforts made in the following four areas: a) Fundamental researches on DSI; to this end, we should encourage the adoption of interdisciplinary approaches in DSI research and introduce pilot demonstration projects on access to and benefit-sharing of DSI; b) The timely establishment of biological data administration system; we should construct a comprehensive system of biological resource data made up of crucial components including classification, convergence, sharing, research, utilization, cross-border transmission, and benefit-sharing; c) Infrastructure development that increase the openness, safety, sharing, and reciprocity of the production and storage of global biological resource data; we should strengthen international cooperation in this regard; d) Better use of the cross-departmental coordination mechanism that involves organizations represented by the China National Committee for Biodiversity Conservation (CNCBC); we should continue to increase the synergy effects originated from China's greater participation in international fora on DSI.

**Key Words:** Convention on Biological Diversity, Nagoya Protocol, genetic resources, digital sequence information, access to and benefit-sharing

所谓遗传资源数字序列信息 (digital sequence information on genetic resources, DSI), 目前尚未有公认的定义, 但至少包括 DNA、RNA 等遗传物质的序列信息和天然产物化学结构信息等, 是在基因组学 (genomics)、蛋白质组学 (proteomics)、代谢组学 (metabolomics) 等生命科学前沿学科快速发展的推动下, 生物科学、信息科学和计算机科学快速交叉融合, 测序技术大规模应用的产物。DSI 可以应用于合成生物学、工业生产、医疗卫生和农业等多领域。从生物多样性研究视角, 其可被用于生物多样性的描述和识别、防治病虫害及生物入侵的早期防控、理解传粉模式、监测生境变化、跟踪非法贸易及保持作物遗传多样性、应对健康突发事件等 (李保平和薛达元, 2019)。以医疗卫生领域为例, 采用合成基因组技术, 能够利用开放获取的 DSI 迅速、准确地合成具有生物活性的流感病毒 (Dormitzer et al., 2013), 而且这种合成病毒在抗原相似性、稳定性和生产时间上比利用实验室动物培养的流感病毒更有优势, 更适合生产疫苗 (Suphaphiphat et al., 2016)。由于以生命科学发展和生物技术进步为核心驱动力的生物经济正在成为未来大国科技、经济、安全战略的核心内容, DSI 俨然已经成为生物产业一种新兴的生产要素, 因此 DSI 获取和利用以及由此产生的利益分配问题已经成为《生物多样性公约》(简称《公约》) 的热点和焦点。

## 1 《公约》DSI 磋商进展

《公约》及其《关于获取遗传资源和公正和公平分享其利用所产生惠益的名古屋议定书》(简称议定书) 建立了以国家主权、事先知情同意、共同商定条件下公平分享惠益为基础的遗传资源获取与惠益分享制度 (薛达元, 2011; 赵富伟, 2022)。这为通常作为遗传资源提供国的广大发展中国家保护其遗传资源并公平分享惠益提供了明晰的国际法依据。测序技术的出现和大规模应用, 使得 DSI 的生产与运用得以实现, 甚至可能取代对遗传资源的利用。发达国家和发展中国家在 DSI 生产、保存、研究和商业开发等能力上存在巨大差距, DSI 的开放获取和利用很可能导致《公约》及其议定书构建的遗传资源获取与惠益分享双边机制失灵 (赵富伟等, 2017; 张小勇, 2021; Rohden & Scholz, 2022)。《公约》缔约方大会第十三次会议 (COP13) 将 DSI 作为可能涉及《公约》三项目标的跨领域问题引入讨论 (SCBD, 2016)。COP14 授权“2020 年后全球生物多样性框架”不限成员名额工作组 (OEWG) 就如何在“2020 年后全球生物多样性框架”背景下处理 DSI 向 COP15 提出建议 (SCBD, 2018)。OEWG 授权, 组建了 DSI 特设技术专家组 (DSI-AHTEG) 和 DSI 共同主席非正式咨询小组 (DSI-IAG) 等工作机制, 开展正式与非正式双轨并行、非正式支持正式的 DSI 问题磋商, 最终促成 COP15 第二阶段会议 (COP15.2) 达成了“昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架” (简称“框架”) 等一揽子重要决定, 阶段性地解决了 DSI 问题纷争。

COP15.2 决议 (CBD/COP/DEC/15/9) 建立 DSI 惠益分享的多边机制 (multilateral mechanism), 包括一个全球基金 (including a global fund), 并将其作为“框架”的一部分。为了进一步完善多边机制并使其最终运作, COP15.2 进一步决定, 设立 DSI 惠益分享不限成员名额特设工作组 (ad hoc open-ended working group on benefit-sharing from the use of DSI),

在 COP16 前公平、透明、包容、富有参与性和时限性地进一步完善多边机制,使其能在 COP16 时得以确立,以便在 COP18 时审查该多边机制的效力。此外, COP15.2 识别了短期内亟需开展研究和讨论的若干待决问题,包括全球基金的管理和贡献、惠益分享触发点、能力建设和技术转让、与议定书的关系、数据治理原则等 16 项密切相关的技术和政策问题。

## 2 DSI 未来争议

尽管 COP15.2 相关决议为 DSI 惠益分享奠定了政治基础,但国际社会仍然需要付出更多的努力,才能在很多悬而未决的技术、政策和法律问题或者争论上定分止争。这些问题或者争论是 DSI 多边机制的关键和核心,也是发达国家和发展中国家不同的利益关切所在。

### 2.1 DSI 内涵和外延

科学研究和数据库等行业通常使用的 DSI 相关术语有:遗传序列数据 (genetic sequence data)、核酸序列数据 (nucleotide sequence data)、核酸序列信息 (nucleotide sequence information)、基因序列 (genetic sequence) 等 (Laird & Wynberg, 2018)。《联合国粮食和农业植物遗传资源国际条约》(ITPGRFA)、WHO《共享流感病毒以及获得疫苗和其他利益的大流行性流感防范框架》(PIP 框架)等多边国际进程中也使用序列数据 (sequence data)、虚拟资源 (resources in silico)、数字序列数据 (digital sequence data)、基因序列数据 (genetic sequence data)、遗传信息 (genetic information) 等术语 (Laird & Wynberg, 2018; Houssen et al., 2020; FAO, 2022)。近日,联合国大会通过了《〈联合国海洋法公约〉下国家管辖范围以外区域海洋生物多样性保护和可持续利用协定》(BBNJ 协定),其中也涉及“海洋遗传资源数字序列信息” (digital sequence information on marine genetic resources) 的惠益分享 (UNGA, 2023)。在《公约》框架下,DSI 的内涵和外延是提供者和利用者双方重点关切之一,将为惠益分享机制的制定和实施提供法律确定性 (ICF et al., 2020)。然而自 2016 年以来《公约》缔约方一直未能对术语使用达成共识,COP15.2 仍决定将“DSI”作为一个占位符 (placeholder) 使用。

DSI-AHTEG 曾经对 DSI 的范围提出四组专家建议 (SCBD, 2020): 1) DNA 和 RNA; 2) DNA、RNA、蛋白质和表观遗传修饰; 3) DNA、RNA、蛋白质、表观遗传修饰、代谢分子和其他大分子; 4) DNA、RNA、蛋白质、表观遗传修饰、代谢分子、其他大分子和其它相关信息 (如生态环境信息、传统知识等)。有观点认为 DSI 只包含 DNA 和 RNA,意在将对遗传资源相关数据信息的管理限制最小化。也有观点认为,除 DNA 和 RNA 之外,DSI 还应包括蛋白质、表观遗传修饰、代谢物、大分子以及衍生物。还有观点认为,需要将 DSI 相关的传统知识一并考虑。范围的选择在很大程度上密切反映了各方利益诉求,已经不是一个纯粹的科学和技术分歧,而是利益和立场问题。可以预期该问题的讨论和选择将深刻影响 DSI 惠益分享多边机制的运作和最终成效。

### 2.2 DSI 与遗传资源的关系

《公约》及其议定书所适用的“遗传资源”,是指“具有实际或者潜在价值的遗传材料”,而“遗传材料”则指“来自植物、动物、微生物或其他来源的任何含有遗传功能单位材料”。有观点据此指出,“遗传资源”是有形的物质材料,而 DSI 是无形的信息数据,因此 DSI 不是遗传资源。进而提出需要对《公约》及其议定书进行修订,或者重新谈判一项具有法律约束力的 DSI 惠益分享专门文书 (Kobayashi, 2019)。有观点则认为“其他来源”可能包含 DSI。有观点认为 DSI 不是“遗传资源”,却是遗传资源利用 (utilization of genetic resources) 或嗣后应用和商业化 (subsequent applications and commercialization) 的结果,适用议定书所构建的获取与惠益分享规则,即事先知情同意和共同商定条件下公平公正地分享惠益。有关 DSI 与遗传资源关系的争论本质上是 DSI 是否适用《公约》及其议定书建立的获取与惠益分享制度的政策问题,也是关乎发展中国家苦心孤诣构建并寄予期待的议定书的效力问题,更是遗传资源丰富国家和生物技术先进国家争夺生物信息数据这一重要生产要素控制权的体现。

### 2.3 开放获取的内涵

开放获取 (open access) 是各方在磋商过程中形成的有关 DSI 获取机制的原则性共识。COP15.2 决议采用了由 FORCE11 (一个由学者、图书馆员、档案管理员、出版商和研究资助者组成的旨在促进知识创造和分享的非营利性组织) 发布 (Wilkinson et al., 2016), 并经科学数据联盟、国际科学协会、联合国教科文组织等国际组织采用的科学数据治理主要原则,即“可发现 (findable)”、“可获取 (accessible)”、“可交互 (interoperable)”、“可重复利用



(reusable)”，又称“FAIR 原则”。此外，全球土著数据联盟（GIDA）提出的“CARE 原则”即“集体利益（collective benefit）”、“控制权限（authority to control）”、“责任（responsibility）”、“伦理（ethics）”，也被接纳为 FAIR 原则的补充。缔约方大会对这两个原则的认可，恐不能完全终结对开放获取的争论。生物技术先进、DSI 存储分析应用能力强的国家倾向于无限制的开放获取 DSI，从而促进科学研究和相关国际合作，将 DSI 价值最大化。而生物技术存在劣势、DSI 存储分析应用能力弱的国家虽然支持开放获取，但同时认为开放获取并不等同于自由获取，应制定开放获取的规则、标准和条款。这些国家通常也是生物多样性丰富的遗传资源提供者。还有观点认为应该避免获取数据方面的严格限制，避免妨碍惠益分享，特别是当涉及公共健康事件等特殊情形。例如，基因组数据快速共享对 COVID-19 的防控和应对发挥了重要作用（Harrison et al., 2021）。这三种观点的争论将伴随 DSI 惠益分享多边机制后续讨论。

## 2.4 监测 DSI 的利用

参照《公约》及其议定书框架下遗传资源获取和惠益分享双边机制，要分享因 DSI 利用所产生惠益，需识别出 DSI 的来源国以及产生该 DSI 的遗传资源。有观点认为监测 DSI 的获取和利用存在技术挑战，易导致不必要的行政管制，且所需费用高昂。国际核苷酸数据库联盟（INSDC）的实践表明，如果要通过登录号（accession numbers, ANs）和数字对象标识符（digital object identifiers, DOIs）等工具监测核苷酸序列数据（NSD）的利用，则需要核苷酸序列数据的提供者报告其数据的来源国，以及产生其数据的遗传资源及其来源。然而，INSDC 仅 6% 的条目与公开的遗传资源有明确联系，仅 16% 的条目元数据中列明了来源国（Rohden et al., 2020）。由于 DSI 的数据信息属性和无形属性，从现有的对遗传资源有形实物的监测实践中几乎很难找到解决方案，而监测 DSI 的利用涉及遗传资源主权国利益、科学研究和商业开发利益分享等关键要素，因此很多国家希望借助区块链等新的信息技术手段或工具实现监测目的。地理来源信息的标示和监测制度将在 DSI 惠益分享不限成员名额特设工作组中进一步讨论。

## 3 DSI 惠益分享面临的挑战

### 3.1 科学技术之争的本质是利益博弈

虽然 DSI 范围和术语、DSI 与遗传资源关系、开放获取内涵、DSI 利用监测等重要争议贯穿了若干科学和技术问题，但纯粹的科学建议尚无法完全弥合这些分歧背后的缔约方利益博弈。

DSI 范围和术语一旦确定，便意味着划定了需要分享惠益的遗传资源相关的数据和信息范围，显然已经不再是纯粹的科学问题，更多的是利益博弈和政治协调问题。不可否认，基因测序数据信息的获取是科学创新、合作的源头，产业链下游对基因测序数据的研究和开发是附加价值的主要生产环节，更为严格的监管将阻碍创新、合作以及相关问题的解决（Gaffney et al., 2020）。因此，开放获取之争的矛头仍然指向惠益分享，本质上是 DSI 提供和获取双方就获取与分享惠益之间利益博弈的外在表现，需要在数据管理与开放获取之间寻找平衡点。DSI 利用监测的必要性、如何监测、监测手段和工具等则与多边机制的最终模式密切相关。DSI 得益于“数字化”过程并借助信息技术使本质为“含语义的序列符号”的信息获得有体性、可控性、特定性和可流通性（唐克，2022），遗传信息是物质性材料具有遗传功能的原因所在，同时也是物质性材料被认定为遗传资源的关键，计算机技术的发展将遗传信息的载体由生物体扩展到计算机或网络等现代技术载体（陈宗波，2020），因此 DSI 与遗传资源关系之争仍然是利益博弈的表现之一。

### 3.2 DSI 待议属性增加了分享惠益的复杂性

DSI 作为遗传资源测序的产物，其产生、存储和利用需要借助生物技术、计算机技术，在其范围和术语、与遗传资源的关系等基本属性均未确定的情况下，仅可确定其与作为实物资源的特定遗传材料可能存在一定联系。通常基因测序数据的利用具备多数据集、多来源等特征，基因编辑、合成生物学等技术的应用，使得一组或多组测序信息可能存在多个“创造主体”，以及可能与最初测序产生的序列数据相差甚远。惠益的分享不可避免地需要与 DSI 附加价值的创造行为以及创造主体相联系，DSI 的产生、利用特征将极大地增加“价值”与“创造主体”对应关系的识别和判定难度。收集、整理、标准化和维护大型数据集是一项巨大的工程，数据库的建设者、运营者和管理者对 DSI 的管理和存储等价值如何定性，也是

惠益分享多边机制设计需要予以统筹考虑的因素。

### 3.3 现行 DSI 国内措施与国际制度协调难度大

法律确定性 (legal certainty) 是 DSI 讨论的参与者最为关切的问题之一。作为《公约》及其议定书缔约方, DSI 获取和惠益分享国际规则的最终模式将对国家管理措施的制修订产生直接影响。尽管 DSI 获取和惠益分享相关国际规则一直处于磋商之中, 但已有近 16 个国家发布实施了 DSI 国家管理措施。有的将 DSI 与实物遗传资源相结合, 通过许可证或合同对 DSI 利用施加约束, 例如纳米比亚、巴拿马。有的将遗传资源的管理措施扩展解释为涵盖 DSI, 如不丹、哥伦比亚。有的规定 DSI 利用将触发惠益分享义务, 但对 DSI 获取不施加限制, 例如巴西、印度。有的通过合规或监测机制管理 DSI, 如欧盟、瑞士 (Bagley et al., 2020)。现行的国家 DSI 双边管理措施是《公约》下 DSI 多边机制建设需要认真研究和对待的问题, 类型多样的国内管理措施增加了构造 DSI 多边机制具体模式的复杂性和难度。

### 3.4 DSI 的多公约协同十分必要且紧迫

ITPGRFA 建立的多边惠益分享机制以及 PIP 框架关于 PIP 生物材料的获取与惠益分享机制均不包含 DSI 的惠益分享 (赵富伟等, 2017)。FAO 和 WHO 注意到关于 DSI 问题的讨论需要与《公约》及其议定书 DSI 磋商进程相协调 (WHO, 2019; SCBD, 2021; SCBD, 2022)。粮食和农业遗传资源委员会 (CGRFA) 将 DSI 相关问题作为其常会议程之一并开展专题研究; ITPGRFA 管理机构第十八届会议将 DSI 纳入其多年期工作方案, 其关于加强多边惠益分享机制的进程也将协调考虑 DSI 问题 (SCBD, 2021; FAO, 2022; SCBD, 2022)。第七十届世界卫生大会决议要求 WHO 秘书处研究将基因序列数据 (Genetic Sequence Data) 纳入 PIP 框架惠益分享机制的影响 (WHO, 2017); WHO 相关研究显示, 获取与惠益分享立法的执行的确减缓了季节性流感样本在全球流感监测和应对系统 (GISRS) 实验室和一些国家以及 WHO 合作中心之间的共享速度, 也明确指出基因序列数据和物理样本之于公共卫生的不同功能以及某些情况下物理样本的不可替代性 (WHO, 2019; SCBD, 2021; SCBD, 2022)。作为多项国际论坛共同关注的焦点和热点, 多公约协同对于妥善处理 DSI 问题争议存在必要性。BBNJ 协定的通过, 宣告国家管辖范围以外区域海洋遗传资源的 DSI 获取与惠益分享国际规则得以建立。借助信息交换所机制、通报制度、标准化批处理标识符等确保 DSI 获取和监测的透明度, 设定了接收货币惠益的专门基金, 货币惠益的分享方式将由缔约方大会根据获取和惠益分享委员会的建议确定。虽然该协定在适用对象范围上与《公约》等国际论坛的讨论存在差异, 但作为首个直接涉及 DSI 获取与惠益分享的国际文书, 其机制模式将对《公约》、FAO、WHO 等国际论坛下 DSI 问题的后续磋商成果产生示范效应。

## 4 DSI 获取和惠益分享问题应对策略

前述争议仅为各方在 DSI 获取与惠益分享领域众多争议之中的冰山一角, 其挑战也将伴随 DSI 后续讨论, 直至 DSI 获取与惠益分享多边机制的最终确立。而有些争议如范围与术语之争, 参照达成 BBNJ 协定的国际造法先例, 恐将长期存在而无定论。在此背景下, 我国需加快推进以下工作:

### 4.1 加强 DSI 相关基础研究

DSI 惠益分享机制的高效实施, 需要在具体模式设计和规则构建上找到具备清晰性、稳定性和法律确定性的范围和术语, 妥善处理 DSI 利用监测和开放获取相关争议。科学技术建议虽不能直接化解利益冲突, 但将科学知识纳入多边环境协定, 对于确保协定之间的术语统一, 从而有效执行这些协定至关重要 (Kobayashi et al., 2020)。因此, DSI 相关基础研究成果作为讨论 DSI 问题的重要基础, 仍然非常必要和重要。需进一步加强法学、经济学、生物信息学等学科 DSI 相关基础研究工作, 特别是需要强化跨学科研究, 为 DSI 所涉相关学科和行业的发展以及相应国家管理措施的制定和完善打牢基础, 研判国际磋商的发展方向, 明确我国应持有的立场和需采取的策略, 为我参与或协调引领 DSI 问题相关国际论坛的讨论提供科技支持。此外, 开展 DSI 惠益分享多边机制试点研究, 对后续相关磋商和国内制度构建提供实践基础也是十分必要的。

### 4.2 系统构建国家生物资源数据管理制度

DSI 作为国家重要战略资源, 制定并逐步完善 DSI 国家管理措施尤其重要。2014 年, 原环境保护部等六部门联合印发《关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知》, 将“信息资料”作为“生物遗传资源”的一部分, 旨在规范日益活跃的生物

遗传资源对外交流与合作，防止并遏制生物遗传资源流失问题（生态环境部，2014）。近年来，我国大力推进科学数据资源安全可控地开放共享，《科学数据管理办法》详细规定了科学数据采集、汇交、保存、共享与利用等（科技部，2018），《生物安全法》也规定了重要生物资源数据名录和清单制度。《数据安全法》将数据安全保护的政策要求通过法律的形式予以明确和强化，强调兼顾数据的有效保护和合法利用。鉴于 COP15.2 已对建立 DSI 获取和惠益分享多边机制形成共识，我国应适时制定生物资源数据管理制度，系统构建生物资源数据分类、汇交、共享、研究、利用、跨境传输、惠益分享等关键制度。

#### 4.3 持续提升生物资源数据基础设施建设

现阶段我国组建了基因组、微生物等 20 余个国家科学数据中心，且拥有全球微生物领域最重要的实物资源数据平台“世界微生物数据中心（WDCM）”，DSI 数据库和数字信息平台建设不断完善（吴林寰等，2021）。2020 年，我国发起《全球数据安全倡议》，倡导秉持发展和安全并重的原则，促进数据安全，构建和平、安全、开放、合作、有序的数字经济。一方面要加快建成开放、安全、共享、互惠的全球性生物资源数据生产与存储基础设施，建立数据信息汇交、分析、研究、商业应用等的产业体系，加大对生物信息数据分析和应用能力的培育。另一方面要针对性发起成立以我为主的生物资源数据国际合作计划，与各国特别是广大发展中国家共商共建共享生物资源数字经济红利。有关部门可先行制定发布生物资源数据国际合作倡议，在确保生物资源数据安全的同时，稳步推动全球生物资源数据共享和交流，促进全球科技合作，在全球生物资源数据治理中贡献中国方案。

#### 4.4 加强国内多公约协同履约效能

DSI 获取与惠益分享问题作为《公约》、FAO、WHO、《联合国海洋法公约》等多个国际论坛共同关注的热点话题，各论坛之间的讨论进程相互促进或者牵制。COP15.2 一揽子成果将 DSI 的获取与惠益分享纳入后，BBNJ 协定也将 DSI 纳入其管制范围，而 WHO、WIPO 等正在开展的政府间磋商也受此影响并开展相应的讨论。任一论坛下有关 DSI 问题的成果和进展均可作为其他相关论坛的讨论提供参考价值。我国是 INSDC 第二大用户国，是《公约》第一大用户国和全球第一大提供国（Rohden et al., 2020），是相关国际组织成员或者国际文书缔约方，十分有必要持续关注、跟进、参与或者引领相关国际论坛下 DSI 问题的讨论。由于这些论坛的参与和履约分属不同部门的职能范围，为了确保我国形成和落实一致的 DSI 国家应对方略，应充分发挥诸如中国生物多样性保护国家委员会等跨部门协调机制作用，促进我国参与各国际论坛有关 DSI 讨论的协同增效，协调应对 DSI 获取与惠益分享带来的机遇和挑战。

#### 参考文献：

- BAGLEY M, KARGER E, MULLER MR, 2020. Fact-finding study on how domestic measures address benefit-sharing arising from commercial and non-commercial use of digital sequence information on genetic resources and address the use of digital sequence information on genetic resources for research and development[EB/OL]. (2020-01-20)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/428d/017b/1b0c60b47af50c81a1a34d52/dsi-ahteg-2020-01-05-en.pdf>.
- CHEN ZB, 2020. On the legal nature of digital sequence information of biological genetic resources[J]. Jiangxi Soc Sci, 40(2): 185-191. [陈宗波, 2020. 论生物遗传资源数字序列信息的法律性质[J]. 江西社会科学, 40 (2): 185-191.]
- DORMITZER PR, SUPHAPHIPHAT P, GIBSON DG, et al., 2013. Synthetic generation of influenza vaccine viruses for rapid response to pandemics[J]. Sci Transl Med, 5(185): 168.
- FAO, 2022. Resolution 16/2022 – Consideration of digital sequence information / genetic sequence data on genetic resources for the objectives of the international treaty[EB/OL]. (2022-10)[2023-02-17]. <https://www.fao.org/3/nk641en/nk641en.pdf>.
- GAFFNEY J, TIBEBU R, BART R, et al., 2020. Open access to genetic sequence data maximizes value to scientists, farmers, and society[J]. Glob Food Sec, 26: 100411.
- HARRISON PW, LOPEZ R, RAHMAN N, et al., 2021. The COVID-19 data portal: accelerating SARS-CoV-2 and COVID-19 research through rapid open access data sharing[J]. Nucl Acid Res, 49(W1): W619-W623.



- HOUSSEN W, SARA R, JASPARS M, 2020. Digital sequence information on genetic resources: concept, scope and current use[EB/OL]. (2020-01-29)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/fe9/2f90/70f037ccc5da885dfb293e88/dsi-ahteg-2020-01-03-en.pdf>.
- ICF, SMITH E, SWITZER S, et al., 2020. Digital sequence information: an evidence review: final report[EB/OL]. (2020-08-14)[2023-02-27]. <https://pureportal.strath.ac.uk/en/publications/digital-sequence-information-an-evidence-review-final-report>.
- KOBAYASHI K, 2019. Will the discussion on digital sequence information on genetic resources contribute to the “evolution” of CBD?[J]. *Biodivers Inf Sci Stand*, 3: e36593.
- KOBAYASHI K, DOMON E, WATANABE KN, 2020. Interaction of scientific knowledge and implementation of the multilateral environment agreements in relation to digital sequence information on genetic resources[J]. *Front Genet*, 11: 1028.
- LAIRD SA, WYNBERG RP, 2018. A fact-finding and scoping study on digital sequence information on genetic resources in the context of the convention on biological diversity and the nagoya protocol[EB/OL]. (2018-01-10)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/079f/2dc5/2d20217d1cdacac787524d8e/dsi-ahteg-2018-01-03-en.pdf>.
- LI BP, XUE DY, 2019. Application of digital sequence information in biodiversity research and its potential impact on benefit sharing[J]. *Biodivers Sci*, 27(12): 1379-1385. [李保平, 薛达元, 2019. 遗传资源数字序列信息在生物多样性保护中的应用及对惠益分享制度的影响[J]. *生物多样性*, 27 (12): 1379-1385.]
- Ministry of Ecology and Environment, The People's Republic of China, 2014. Notice on strengthening the management of utilization and benefit sharing of biological genetic resources in foreign cooperation and exchange[EB/OL]. (2014-10-30)[2023-02-17]. [https://www.mee.gov.cn/gkml/hbb/bwj/201411/t20141105\\_291155.htm?keywords=关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知](https://www.mee.gov.cn/gkml/hbb/bwj/201411/t20141105_291155.htm?keywords=关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知). [中华人民共和国生态环境部, 2014. 关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知[EB/OL]. (2014-10-30) [2023-02-17]. [https://www.mee.gov.cn/gkml/hbb/bwj/201411/t20141105\\_291155.htm?keywords=关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知](https://www.mee.gov.cn/gkml/hbb/bwj/201411/t20141105_291155.htm?keywords=关于加强对外合作与交流中生物遗传资源利用与惠益分享管理的通知).]
- Ministry of Science and Technology, The People's Republic of China, 2018. Notice of the general office of the state council on issuing the “scientific data management ordinance”[EB/OL]. (2018-03-17)[2023-02-17]. [https://most.gov.cn/xxgk/xinxifenlei/fdzdgknr/fgzc/gfxwj/gfxwj2018/201804/t20180404\\_139023.html](https://most.gov.cn/xxgk/xinxifenlei/fdzdgknr/fgzc/gfxwj/gfxwj2018/201804/t20180404_139023.html). [中华人民共和国科学技术部, 2018. 国务院办公厅关于印发科学数据管理办法的通知[EB/OL]. (2018-03-17) [2023-02-17]. [https://most.gov.cn/xxgk/xinxifenlei/fdzdgknr/fgzc/gfxwj/gfxwj2018/201804/t20180404\\_139023.html](https://most.gov.cn/xxgk/xinxifenlei/fdzdgknr/fgzc/gfxwj/gfxwj2018/201804/t20180404_139023.html).]
- ROHDEN F, HUANG SX, DRÖGE G, 2020. Combined study on digital sequence information in public and private databases and traceability[EB/OL]. (2020-01-31)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/1f8f/d793/57cb114ca40cb6468f479584/dsi-ahteg-2020-01-04-en.pdf>.
- ROHDEN F, SCHOLZ AH, 2022. The international political process around digital sequence information under the convention on biological diversity and the 2018–2020 interessional period[J]. *Plants People Planet*, 4(1): 51-60.
- SCBD/COP/DEC/XIII/16, 2016. Decision adopted by the conference of the parties to the convention on biological diversity XIII/16. digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. (2016-12-16)[2022-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/decisions/cop-13/cop-13-dec-16-zh.pdf>.
- SCBD/WG2020/5/INF/1, 2022. Co-leads’ report on the work of the informal co-chairs’ advisory group on digital sequence information on genetic resources since the fourth meeting of the open-ended working group on the post-2020 global biodiversity framework [EB/OL]. (2022-10-20)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/0c79/5954/8ec6714d513eSCBD570c0b062/wg2020-05-inf-01-en.pdf>.
- SCBD/COP/15/INF/15, 2022. Update on recent developments under the international treaty on plant genetic resources for food and agriculture of relevance to the convention on biological diversity and its nagoya protocol on access to genetic resources and the fair and equitable sharing of benefits arising from their utilization[EB/OL]. (2022-11-23) [2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/eabc/fbcc/4e17c5e7df8bd9abadc7b28a/cop-15-i>

- nf-15-en.pdf.
- SCBD/WG2020/3/INF/1, 2021. Update of digital sequence information on genetic resources in relevant international processes and policy debates[EB/OL]. (2021-08-12)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/a17a/bc80/7b58eb8638032cf43b95070f/wg2020-03-inf-01-en.pdf>.
- SCBD/DSI/AHTEG/2018/1/4, 2018. Report of the ad hoc technical expert group on digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. (2018-02-20)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/7ea1/36b3/7ccf849897a4c7abe49502b2/sbstta-22-inf-04-en.pdf>.
- SCBD/DSI/AHTEG/2018/1/2, 2018. Synthesis of views and information on the potential implications of the use of digital sequence information on genetic resources for the three objectives of the Convention and the objective of the Nagoya Protocol[EB/OL]. (2018-01-09)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/c/06dc/df41/cbbe0ff3d861dc4e45953973/dsi-ahteg-2018-01-02-en.pdf>.
- SCBD/WG2020/REC/5/2, 2022. Recommendation adopted by the working group on the post-2020 global biodiversity framework 5/2. digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. (2022-12-05)[2023-02-20]. <https://www.SCBD.int/doc/c/98c5/d3fe/3f837c88778d3270d0967ac6/wg2020-05-rec-02-en.pdf>.
- SCBD/WG2020/5/3, 2022. Digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. (2022-10-19)[2023-02-20]. <https://www.SCBD.int/doc/c/c064/37f6/d5024789093ef19bf5f84519/wg2020-05-03-en.pdf>.
- SCBD/WG2020/REC/3/2, 2022. Recommendation adopted by the working group on the post-2020 global biodiversity framework 3/2. digital sequence information on genetic resources[EB/OL]. (2022-03-29)[2023-02-17]. <https://www.SCBD.int/doc/recommendations/wg2020-03/wg2020-03-rec-02-en.pdf>.
- SUPHAPHIPHAT P, WHITTAKER L, DE SOUZA I, et al., 2016. Antigenic characterization of influenza viruses produced using synthetic DNA and novel backbones[J]. Vaccine. 34(32): 3641-3648.
- TANG K, 2022. A research on the ownership of biological genetic resources[D]. Beijing: China University of Political Science and Law: 134-159. [唐克, 2022. 生物遗传资源所有权研究[D]. 北京: 中国政法大学: 134-159.]
- UNGA, 2023. Draft agreement under the united nations convention on the law of the sea on the conservation and sustainable use of marine biological diversity of areas beyond national jurisdiction[EB/OL]. (2023-03-04)[2023-03-21]. [https://www.un.org/bbnj/sites/www.un.org/bbnj/files/draft\\_agreement\\_advanced\\_unedited\\_for\\_posting\\_v1.pdf](https://www.un.org/bbnj/sites/www.un.org/bbnj/files/draft_agreement_advanced_unedited_for_posting_v1.pdf).
- WHO, 2017. WHA70(10): Review of the pandemic influenza preparedness framework[EB/OL]. (2017-05-29)[2023-02-17]. [https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf\\_files/WHA70/A70\(10\)-en.pdf](https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA70/A70(10)-en.pdf).
- WHO, 2019. WHA72(12): Pandemic influenza preparedness framework for the sharing of influenza viruses and access to vaccines and other benefits[EB/OL]. (2019-05-28)[2023-02-17]. [https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf\\_files/WHA72/A72\(12\)-en.pdf](https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA72/A72(12)-en.pdf).
- WILKINSON MD, DUMONTIER M, AALBERSBERG IJ, et al., 2016. The FAIR guiding principles for scientific data management and stewardship[J]. Sci Data, 3: 160018.
- WU LH, SHI L, GAO MX, et al., 2021. Analysis on the status and suggestions for the development of digital sequence information of genetic resources[J]. Chin Sci Technol Resour Rev Technology Resources Review, 53(02): 36-43. [吴林寰, 石蕾, 高孟绪, 等, 2021. 浅析遗传资源数字序列信息的发展现状与建议[J]. 中国科技资源导刊, 53(2): 36-43.]
- XUE DY, 2011. Analysis for the main elements and potential impacts of nagoya protocol [J]. Biodivers Sci, 19(1): 113-119. [薛达元, 2011. 《名古屋议定书》的主要内容及其潜在影响[J]. 生物多样性, 19(1): 113-119.]
- ZHANG XY, 2021. Rules, challenges and countermeasures of sharing of pathogens in the context of the implementation of the nagoya protocol[J]. J Ecol Rural Environ, 37(9): 1098-1103. [张小勇, 2021. 履行《名古屋议定书》背景下病原体共享的规则、挑战与对策[J]. 生态与农村环境学报, 37(9): 1098-1103.]
- ZHAO FW, 2022. Access to and benefit-sharing of bio-genetic resources[M]. Beijing: China Environment Publishing Group: 11-22. [赵富伟, 2022. 生物遗传资源的获取与惠益分



- 享[M]. 北京：中国环境出版集团：11-22.]
- ZHAO FW, CAI L, ZANG CX, 2017. Latest developments in international regimes relevant to access and benefit-sharing of genetic resources[J]. Biodivers Sci, 25(11): 1147-1155. [赵富伟，蔡蕾，臧春鑫，2017. 遗传资源获取与惠益分享相关国际制度新进展[J]. 生物多样性, 25 (11): 1147-1155.]